



QY 117 SSAKTPPSVYPLADCGDTGSSWTLGLCVKGYPESVTWNSSGLSSSVHFTPALQ 176  
 ID :|||||:|||||:|||||:||| :|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 112 SAAKTPPSVYPLAGSAAGTNSMILGCVKGYPESVTWNSSGLSSSVHFTPALQ 171  
 QY 177 SGLYMNTSSVTPSSWTPSQTWTCSVAHRASSTWDKKLURPSGRPSTINCPPEKHC 236  
 ID :|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 172 SDLYTLLSSVTPSSWTPSQTWTCSVAHRASSTWDKKLURPSGRPSTINCPPEKHC 222  
 QY 237 PAPNLEGGPSVIFPPNIKVLMSLTPKTCWVDVSEDDPVQISWPNVNVEHTAQ 295  
 ID :|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 223 TVPEVS--SVFIPPKPKDVLTTILTPKTCWVDVSEDDPVQISWPNVNVEHTAQ 279  
 QY 297 QTHREDYNSTIRVSTLPIQHDMWSGKEFKCKNNKDLSPERTISKGLYRQPOV 356  
 ID :|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 280 QPREQFNFSRSVSLPMLHQDWNGKEKCRVNSAFAPIENTISKKGKRPQVY 339  
 QY 357 ILPPEAOEOLSRKDVSILCCLVGFNPGDISWEVTSNIGHTEEYKDAPIVLDSDGSIFIYK 416  
 ID :|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 340 TIPPKQEQQMAKDKVSLTCMTDFFPEDITEWQWNGQPAENYKNIQPMIDTDGSYFVYK 399  
 QY 417 LNMKUSKWEKTDSSCNVRERGLKQYKLTKTISPGK 454  
 ID :|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 400 LNVQHSNWEAGNTFCVSLHGLHHHTERNLNSLSPGK 437

RESULT 2  
 ID Q9NPB6 PRELIMINARY; PRT; 416 AA.  
 AC Q9NPB6;  
 DT 01-OCT-2000 (TREMBrel. 15, Created)  
 DT 01-OCT-2000 (TREMBrel. 15, Last sequence update)  
 DT 01-MAR-2001 (TREMBrel. 16, Last annotation update)  
 DE IMMUNOGLOBULIN HEAVY CHAIN VARIANT (FRAGMENT).  
 OS Homo sapiens (Human).  
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.  
 OX NCBI\_TAXID=9606;  
 RN [1]  
 RP SEQUENCE FROM N.A.  
 RA Pluvinet R., Estivill X., Escarceller M., Sunoy L.;  
 RL Submitted (JUL-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.  
 RN [2]  
 RP SEQUENCE FROM N.A.  
 RA Auffray C., Ansorge W., Ballabio A., Estivill X., Gibson K.,  
 RA Lehrach H., Poustka A., Lundeberg J.;  
 RT "The European IMAGE consortium for integrated Molecular analysis of  
 human gene transcripts.";  
 RT Submitted (JUL-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.  
 DR EMBL; ALB9978; CAB9734.1; -;  
 DR InterPro; IPR003006; -;  
 DR InterPro; IPR003596; -;  
 DR PROSITE; PS00290; IG\_MHC; UNKNOWN\_2.  
 DR SMART; SM00406; IGV; 1.  
 FT NON\_TER 117 117  
 FT NON\_TER 117 117  
 SQ SEQUENCE 416 AA; 44786 MW; 8C41708BB8AB4687 CRC64;

Query Match 22.4%; Score 543; DB 4; Length 416;  
 Best Local Similarity 33.3%; Pred. No. 6.3e-35;  
 Matches 143; Conservative 76; Mismatches 162; Indels 48; Gaps 19;

QY 42 GESLFWIGGINTPYVGGSIFSPKFKGKATLVDKSSTAYMELRSITSDSAVYCARRAG 101  
 ID :|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 2 GKGLEWNSRISSGSDTVDYADSVKGKRFVSRDTAKANLSIQMSSIRVEDAVYCAR-- 58  
 QY 102 AYY-FDYGQGTTLVSSAKTTPSSVYPLAGCDDTT--GSSVTLGCVKGYPESVTW 157  
 ID :|||||:|||||:|||||:|||||:  
 Db 59 TYVGYNDVWGOGTIVVSSASAAPTSPKRFLPLSL--DSTPQDGIVVACLVQGFFPQEPPLSV 115  
 QY 158 TWNSGSSLSSVHFTPALLOG--LTMSSSVTWSSTWP-SQTYCVAH--PASTV 211  
 ID :|||||:|||||:  
 Db 400 LNVQHSNWEAGNTFCVSLHGLHHHTERNLNSLSPGK 437

RESULT 3  
 ID Q9QXF0 PRELIMINARY; PRT; 117 AA.  
 AC Q9QXF0;  
 DT 01-MAY-2000 (TREMBrel. 13, Created)  
 DT 01-MAY-2000 (TREMBrel. 13, Last sequence update)  
 DT 01-MAR-2001 (TREMBrel. 16, Last annotation update)  
 DE IMMUNOGLOBULIN HEAVY CHAIN V-D-J REGION (FRAGMENT).  
 OS Mus musculus (Mouse).  
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.  
 OX NCBI\_TAXID=10090;  
 RN [1]  
 RP SEQUENCE FROM N.A.  
 RA Clemens A., Rademakers A., Specht C., Koelsch E.;  
 RL Submitted (DEC-1997) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.  
 DR EMBL; AJ225171; CAB65236.1; -;  
 DR InterPro; IPR003005; -;  
 DR InterPro; IPR003596; -;  
 DR Pfam; PF00047; Ig; 1.  
 DR SMART; SM00406; IGV; 1.  
 FT NON\_TER 117 117  
 FT NON\_TER 117 117  
 SQ SEQUENCE 117 AA; 13060 MW; D816AD0858A47E4C CRC64;

Query Match 19.8%; Score 480.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 78.8%; Pred. No. 1.1e-30;  
 Matches 93; Conservative 9; Mismatches 15; Indels 1; Gaps 1;

QY 1 FVQLQOQSGBELVKPGCAGSAYMISCRTSAYTFTENYHVKOSHGSLEWLGGINPYGGSIF 60  
 ID :|||||:|||||:  
 Db 1 EVQLOQSGBELVKPGCAGSAYMISCRTSAYTFTENYHVKOSHGSLEWLGGINPYGGSIF 60  
 QY 61 SPKRGKATUTVDSSTSAYMELRSITSDSAVYCARRAGAYFDYNGQGTTLVSS 118  
 ID :|||||:|||||:  
 Db 61 NQKRGKATUTVDSSTSAYMELRSITSDSAVYCARRAGAYFDYNGQGTTLVSS 117

RESULT 4  
 ID Q9UP60 PRELIMINARY; PRT; 384 AA.  
 AC Q9UP60;  
 DT 01-MAY-2000 (TREMBrel. 13, Created)  
 DT 01-MAY-2000 (TREMBrel. 13, Last sequence update)  
 DT 01-MAR-2001 (TREMBrel. 16, Last annotation update)  
 DE SNC73 PROTEIN.  
 GN SNC73.  
 OS Homo sapiens (Human).  
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;

OC Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrini; Hominidae; Homo.  
 NCBI\_TAXID=9606;  
 RN [1]  
 RP SEQUENCE FROM N.A.  
 Zheng S.; Cao J.; Cao W.; Cai X.; Geng L.;  
 "Identification and characterization of gene SNc73, a gene which is down-regulated in colorectal cancer.", Submitted (JUN-1998) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.  
 CC -I SIMILARITY: TO IMMUNOGLOBULIN AND MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX  
 DOMAIN.  
 DR EMBL; AF067420; AAC19365.1; -.  
 DR HSSP; P01825; 7EAS; InterPro; IPR003597; -. DR Pfam; PF0047; ig; 3.  
 DR PROSITE; PS00290; IG\_MHC; UNKNOWN\_1.  
 DR SMART; SM00407; IgG1; 1.  
 DR SEQUENCE 384 AA; 40947 MN; BA7ADC3CA5A9DD48 CRC64;

RESULT	6	DR SMART; SM00406; IgV; 1.
Q9JL75	ID Q9JL75 PRELIMINARY; PRT; 109 AA.	FT NON_TER 1
Q9JL75	AC Q9JL75; PRT; 109 AA.	FT NON_TER 117
Q9JL75	DT 01-OCT-2000 (TREMBLREL. 15, Last sequence update)	FT NON_TER 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;
QY 1	1 EVOLQQSPELVRPGASYSMCRUSAYNTENTVHWYKQSHBESLEWIGGIAPYGGSIF 60	FT NON_TER 117
Db 1	1 EVOLQQSPELVRPGASYSKMSCKASGYIFTDYMKWWKQSHGKSLENIGDINPENNGSY 60	FT NON_TER 117
QY 61	61 SPFKGKATLVOKSSSTAYMEURSLTSEDSAVYCARRAGGY-FYWMQGIFTWSS 118	FT NON_TER 117
Db 61	61 INQFKKGATLTVOKSSSTAYMQLNLSLTSEDSAVYCAR-DRVYAMDYWGQTSVTYSS 117	FT NON_TER 117

Query Match 18.9%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 5.9e-29;  
 Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

Query Match 18.9%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 5.9e-29;  
 Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

QY 92 AVVYCARRAGAYV---FDYWQCGGTIVVSSAKTTPSVYPLAPGCCDTGSSVTGCL 146

Db 2 AVVYCV--SGGIYDSSGPFEDYQGQTLTVSSAASPSTSKVFPISL-GSTQPQGNVVAICL 58

QY 147 VKGYP-ESVTVWNNSGLSSSVTHFPAQLQS-LYMMSSVVPSS-TWPSQTVCSV 202

Db 59 VQGFPPQPLSVWVSESEQGVYARNFPQSODASGDLTTSQLTPAQOCLAGKSVCH 118

QY 203 AH--PASSTVVKLEG---GP1STINCPCPCKPCHKOPAPNPLEGGPSVFFPNI 254

Db 119 KHYTNPSODVTPCPV-PSTPPRPSRSPTPTPSPSC-CH-----PRLSHRPL 165

QY 255 KDYLMISLTPKVICVVWDVSEDDPDVQTSWFVANNEVHTAQOTQHREDYNSTRVSTLP 314

:||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||

QY 315 IHQDWMMSGKEFKVKNNDLSPPIERNTISKTKGLVRAPQVTLIPPPAEQLSRKD-VSLT 373

Db 222 GCAPWNHKGTFCTTAYPEKTIPLATLSK-SGNTFRPEVHLIPPPSEELNLNEVLT 280

QY 374 CLWVGENGNGDISWEWTNSGH-TEENYKDTAPVLD-SDG--SFYIYSKLNMTSKWEKT 428

Db 281 CLARGFSPKVDLVWLQLOGSQQELPREKYLITWASRQEPSONGTTFAVTSILRVAEDWKGGD 340

QY 429 SFSCNVHRHEGLKLYKLKTTISRFQPK 454

Db 341 TFSOMVGHALPLAFTQTKIDLRAKG 366

RESULT 5 Q9QX9 PRELIMINARY; PRT; 117 AA.

Q9QX9 PRELIMINARY; PRT; 117 AA.

AC Q9QX9; DT 01-MAY-2000 (Tremblel. 13, Created)  
 DT 01-MAY-2000 (Tremblel. 13, Last sequence update)  
 DT 01-MAY-2001 (Tremblel. 16, Last annotation update)  
 DE IMMUNOGLOBULIN HEAVY CHAIN V-D-J REGION (FRAGMENT).  
 DE MUS musculus (Mouse).  
 OS Mammalia; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; OX Q9QX9; RN 1  
 OC Mammalia; Etheria; Rodentia; Sciuropnathi; Muridae; Murinae; Mus. NCBITaxonID=10090;  
 RA Clemens A., Rademaker A., Specht C., Koelsch E.; DR Submitted (DEC-1997) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.  
 RL EMBL; AU25174; CAB6537.1; -.  
 DR InterPro; IPR003006; -.  
 DR InterPro; IPR003196; -.  
 DR Pfam; PF00047; ig; 1.



DR Pfam; PF00047; Ig; 6.  
 DR PROSITE; PS02290; Ig\_MHC; UNKNOWN\_3.  
 DR SMART; SM00407; IgG1; 1.  
 KW SIGNAL. 1 18 POTENTIAL.  
 FT CHAIN 19 684 AA; 75224 MW; NOVEL ANTIGEN RECEPTOR.  
 SQ SEQUENCE 684 AA; 75224 MW; 2FF9D2071CDA6DFD CRC64;

Query Match 15.3%; Score 372.5; DB 13; Length 684;  
 Best Local Similarity 23.6%; Pred. No. 3.3e-21;  
 Matches 130; Conservative 88; Mismatches 205; Indels 129; Gaps 23;

QY 2 VOLQOSGPVELVKPGASVMSICRTSAYTFTEN-TWH-----VKOSHGE- 43  
 Db 145 VSLILHSATEEQARNRFWVOLCLISGY-YPENTAVSWQNKTKITSGFATTSPVKTSSND 203

QY 44 --SL-----FRIGGINPYGGISFSKFKKATLVD---KSSSTAYMERSLTS 90  
 Db 204 SCASLLKVPLQEW-----SRGSVYSCOVSHSATSSNORKEIRSTSBIAVLRLDPVNE 256

QY 91 -----SAVYCY-----ARRAGAYF-----DY 107  
 Db 257 IWIKSASLVAEVLSVAGVWVSMNGKVRNEGVOEMPTMSGNYLITRBLSSVE 316

QY 108 WSGGTTLWSS-----AKTTPSVYTLAPSGCD-MTGSSYTLGCVKG 149  
 Db 317 WOSGVEETCSAKQDQSSTPVVKRTRKARVEPTPKHLRLLPPSPEIOTSSATLCLRG 376

QY 150 YPFESVTWNSG-SLSSSVHFPALQSGI-YTMSSVTPSPSTPS-QWTCVSAHP 205  
 Db 377 FYPDKRSVSWQKDWDVSANVNTFPALDIFSTRSLNLNTAVENSKGAKYTCTASHP 436

QY 206 ASSTTVDKKLEFGGPPISTINCPCPCKCECHKCAPPNLEGGSFIFPPNNIKDVLMISLPR 265  
 Db 437 P50STVKRIV-----NQKDCROT-----DISLSPKPFEEI-WTQQTAT 477

QY 266 VRCVVVVDSEDDPDVQLSWFWVNNEVHTAQOTPRHEDYNSTTRVUSTLPIQHQDWMSGKE 325  
 Db 478 IVEI- WYSDSENKIVFWQVNGVERRKGVETQNPENWSKSTIVSKLVKMASEWDSGTE 535

QY 326 EKCKVNNKDLPSPIERTTSKIN-GLVAPQVYILPPAQL- SRKDVSITCLVWGFNGD 383  
 Db 536 YVCLVEDSELPPTVKASTRKYNSQMPKPVYUHPSDEIDTENSATMCLATNFHEPA 595

QY 384 ISWEWTNSHG-TEENYKDATAPVLDSDGSYFITSKLNMKTSKWERKTDSFSCNVRHREGKNY 442  
 Db 596 IVGWMDMLTDGSGYRQVDSBKGSSSFVDRIRTAENNSDTTSCVNGHPSLRD 655

QY 443 YLKKTIRSPGK 454  
 Db 656 LIRST-NKSNGK 666

RESULT 11

097298 PRELIMINARY; PRT; 150 AA.

ID 097298 DOMAIN; PRT; 150 AA.

AC Q9Y298; 01-NOV-1999 (Tremblrel. 12, Created)  
 DT 01-NOV-1999 (Tremblrel. 12, Last sequence update)  
 DT 01-MAR-2001 (Tremblrel. 16, Last annotation update)

DE VHL PROTEIN PRECURSOR (FRAGMENT).

GN Homo sapiens (Human).

OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Buteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.

OX NCBI\_TAXID=9606;

RN [1]

RP SEQUENCE FROM N.A.

RC TISSUE-PERIPHERAL BLOOD;

RA Jox A., Zander T., Kueppers R., Irsch J., Kanzler H., Kornacker M.,  
 Boilien H., Diehl V., Wolf J.,

RT "Absence of immunoglobulin in Hodgkin-Reed Sternberg cells of a patient with mixed cellularity Hodgkin's disease is associated with somatic mutations within the untranslated regions of rearranged and class switch recombinated Ig genes.",  
 Submitted (Apr-1998) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.

RT - SIMILARITY: TO IMMUNOGLOBULIN AND MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX

CC DOMAIN; PRT; 150 AA.

DR EMBL; AU005570; CAA0659.1; -.

DR InterPro; IPR003006; -.

DR InterPro; IPR003596; -.

DR Pfam; PF00047; Ig; 1.

DR SMART; SM00406; IgV; 1.

KW SIGNAL. 1 21 POTENTIAL.

FT NON\_TER 157 AA; 17304 MW; 86986EEDA84D88B5 CRC64;

SQ SEQUENCE 157 AA; 17304 MW; 86986EEDA84D88B5 CRC64;

RT inhibitor.;"  
 RL Blood 92:496-506(1998).  
 CC - SIMILARITY: TO IMMUNOGLOBULIN AND MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX  
 CC DOMAIN.

DR InterPro; IPR003005; -.

DR InterPro; IPR003596; -.

DR Pfam; PF00047; Ig; 1.

DR SMART; SM00406; IgV; 1.

KW Signal.

FT NON\_TER 150 AA; 16031 MW; 563D164AB22802D5 CRC64;

SQ SEQUENCE 150 AA; 16031 MW; 563D164AB22802D5 CRC64;

Query Match 15.3%; Score 371.5; DB 4; Length 150;  
 Best Local Similarity 23.6%; Pred. No. 5.9e-22;  
 Matches 73; Conservative 18; Mismatches 37; Indels 1; Gaps 1;

QY 1 EVLOQOSGPVELVKPGASVMSICRTSAYTFTEN-TWH-----VKOSHGE- 43  
 Db 20 OVOLVOSGAEVKPGASVVKRSVCKVSGYTLPELVPHWQOAPGKGLEWVGFSFOPESGIV 79

QY 61 SPFKGKATLWVKSSRAYMERSLTSEDAVYCARRAGAYFDWQGQTLTVSAK 120  
 Db 80 ARERFGSYTMATDSTDAYMESSLRSDDTAVYYCA-VPDPAFDIWQGQTVNTVSSAS 138

QY 121 TTPSVYPL 129  
 Db 139 TKPSVYPL 147



Tue Jun 19 08:18:10 2001

us-09-653-755a-4.rspt

